(Partie VI – partie 3) Métagenèse. Vers une biologie sans matière, fondée sur la logique pure

Invariants numériques multi-échelles et propriétés fractales du code génétique : une théorie unifiée de l'information biologique, des étoiles aux codons

Victoria Kayser-Cuny
(diplômée en génétique moléculaire, avec une spécialisation en physique des particules, paléogénétique/génétique de l'évolution et astrobiologie, et admise pour 2026 dans un programme de troisième cycle en cytogénétique moléculaire dans une faculté de médecine en France)

Mots-clés : Métagenèse · Invariants numériques · Fractalité du code génétique · Biologie sans matière · Automate discret · Théorie de l'information biologique · Code quaternaire · CHON · Auto-organisation · Grammaire du vivant · Mathématiques du génome · Physique de l'information · Émergence · Symétrie multi-échelles

Résumé : Cette étude prolonge le cadre analytique établi dans les parties précédentes de *Meta-Genesis* (*Métagenèse. Vers une biologie sans matière, fondée sur la logique pure*), où il a été démontré que le code génétique présente une hiérarchie d'invariants numériques — 1, ≈ 96–97 et 128 — cohérents à travers les échelles atomique, moléculaire et codonique.

Ici, ces invariants sont testés de manière systématique, depuis la composition atomique des éléments CHON (carbone, hydrogène, oxygène, azote) créés dans les étoiles jusqu'à un code quaternaire hypothétique étendu. À toutes les échelles d'analyse — des atomes aux codons, des paires de bases aux modèles combinatoires abstraits — les mêmes constantes réapparaissent, inchangées. Au niveau des acides aminés, les invariants demeurent présents, bien qu'ils doivent être additionnés pour exprimer leur cohérence interne. Leur récurrence suggère que la structure de l'information biologique est régie par des contraintes arithmétiques universelles, indépendantes du substrat biochimique ou de l'alphabet de codage.

La dynamique interne du code se caractérise en outre par un incrément additif constant de +225,5, issu directement de la somme des trois invariants fondamentaux (*1 + 96,5 + 128 = 225,5*). Ce pas quantifié définit un opérateur temporel et informationnel, transformant le code génétique en un automate discret auto-cohérent. Ainsi, la vie n'apparaît plus comme une simple séquence chimique, mais comme une machine logique, un système dont les transformations émergent de sa propre grammaire interne.

Les virus, quant à eux, représentent le test le plus direct du modèle *Meta-Genesis*, car leur fonctionnement repose entièrement sur la logique du code et non sur la chimie de l'autonomie. L'application de la grille arithmétique aux génomes viraux — qu'ils soient à ADN ou à ARN — révèle que les mêmes invariants fondamentaux (1, ≈ 96–97, 128, 225,5) y persistent, malgré la réduction extrême du contenu génétique. Les virus incarnent ainsi la forme la plus pure de la vie informationnelle, confirmant que la frontière entre vie et non-vie est arithmétique, et non uniquement chimique.

Par une amplification mathématique de l'architecture CHON, chaque base est projetée dans un espace informationnel discret, où la biochimie se traduit en arithmétique. Le système qui en résulte présente à la fois fractalité et clôture : les mêmes invariants persistent — des atomes aux étoiles, des étoiles aux codons de l'ADN, aux virus et au-delà — révélant une grammaire unifiée de la transformation, reliant la biologie, les mathématiques et la physique de l'information.

Enfin, l'étude montre que cette structure arithmétique ne se limite pas à la chimie carbonée. Les mêmes rapports numériques se retrouvent dans les combinaisons silicium–phosphore–soufre, envisagées en exobiologie comme bases alternatives à la vie terrestre. Leurs valeurs caractéristiques (+94,5, +124 et +214) ne s'écartent que de 2 % à 5 % des invariants 96,5, 128 et 225,5, confirmant une cohérence arithmétique inter-élémentaire. Cette proximité numérique suggère que la loi identifiée dépasse la biologie terrestre et décrit un principe universel de structuration de la matière vivante, valable pour tout système susceptible de calcul ou d'auto-organisation.

1. Introduction : lignée théorique et cadre conceptuel

1.1. De la logique à la vie

La présente étude s'inscrit dans une trajectoire théorique amorcée il y a près d'un siècle par Alan Turing, John von Neumann et Claude Shannon, qui ont chacun cherché à formaliser la vie non pas comme un phénomène chimique, mais comme un processus de calcul. La machine universelle de Turing (1936) introduisit l'idée qu'un système capable de manipuler des symboles pouvait en simuler tout autre, à condition qu'il suive un ensemble fini de règles. Von Neumann étendit ce principe à la biologie en imaginant un automate capable d'auto-reproduction, établissant ainsi un pont entre l'auto-organisation logique et biologique.
Parallèlement, Shannon définissait la structure quantitative de l'information, permettant de traiter le sens et la matière dans le même langage mathématique. La question restée ouverte — et à laquelle *Meta-Genesis* s'attache — est la suivante : **le code génétique peut-il être compris comme une telle machine ?** Non pas de manière métaphorique, mais de façon arithmétique et structurelle, en obéissant aux mêmes lois que les automates computationnels.

1.2. Le code génétique comme automate naturel

Le modèle inachevé de von Neumann d'un automate auto-reproducteur décrivait une architecture logique étonnamment proche de celle des cellules vivantes : une bande centrale (l'ADN), un constructeur (le ribosome), un copieur (la réplicase) et un contrôleur (la rétroaction régulatrice). Cependant, le substrat arithmétique de cet automate n'avait jamais été identifié. Les résultats présentés ici démontrent que le code génétique incarne déjà mathématiquement cet automate. Sa structure est quantifiée, récursive et auto-cohérente — définie par un ensemble minimal de constantes (1, 96-97, 128, 225,5) qui engendrent sa dynamique propre par addition et symétrie modulaire. En ce sens, la vie n'est pas une propriété émergente de la matière, mais la réalisation stable d'une équation logique. Le code génétique fonctionne comme un automate de von Neumann, incarné dans le carbone, où la chimie ne fournit que la syntaxe physique d'une grammaire déjà logique.

1.3. L'information de Shannon et l'arithmétique de l'ordre

Claude Shannon (1948) a établi que l'information se mesure par la réduction de l'incertitude. Dans le même esprit, le modèle présent définit la stabilité biologique comme la minimisation de l'entropie informationnelle grâce à une périodicité arithmétique. Chaque configuration codonique agit comme un message dont le sens n'est pas contenu dans la séquence elle-même, mais dans les relations arithmétiques entre les bases. Les invariants récurrents 1, 96-97, 128 et 225,5 servent d'attracteurs fixes dans cet espace informationnel — des points de minimum d'entropie définissant une grammaire stable de transformation. Ainsi, le code génétique satisfait aux mêmes critères qu'un canal de communication optimal, où redondance et périodicité assurent la fidélité de la transmission au fil du temps et des réplications.

1.4. La signature fractale du vivant (Mandelbrot)

À tous les niveaux d'observation — atomique, moléculaire, codonique— les mêmes relations numériques persistent. Cette auto-similarité à travers les échelles identifie le code génétique comme un système informationnel fractal, en écho au principe de Benoît Mandelbrot selon lequel la nature s'exprime par des motifs récurrents invariants d'échelle. Dans cette perspective, les invariants (1, 96-97, 128) forment un attracteur fractal biologique, et leur somme (+225,5) définit la période temporelle d'itération — le « battement de cœur » de la computation biologique. La fractalité, ici, n'est pas visuelle mais arithmétique : chaque niveau reproduit les mêmes proportions, suggérant que la vie est la géométrie arithmétique de la cohérence.

1.5. Eigen, Maynard Smith et la logique de l'auto-organisation

Dans les années 1970, Manfred Eigen et John Maynard Smith proposèrent que le code génétique avait émergé par auto-organisation de l'information, guidée par des principes autocatalytiques. Leur vision manquait toutefois d'une loi mathématique reliant composition moléculaire et stabilité informationnelle. Le cadre proposé ici fournit précisément cette loi : chaque configuration biologique stable correspond à un pas discret sur un réseau demi-entier (.0/.5) et évolue par l'incrément fixe de +225,5. Ce modèle formalise ainsi l'intuition d'Eigen : la vie est un système arithmétique auto-organisé, et non un phénomène purement chimique. Cette approche rejoint les perspectives contemporaines de Sara Imari Walker et Paul Davies, qui décrivent la vie comme un phénomène *information-first* — une forme émergente de physique où la causalité s'écoule de l'information vers la matière, et non l'inverse.

1.6. Le principe de Wheeler — "It from Bit"

Le physicien John Archibald Wheeler affirmait que « chaque particule, chaque champ de force, et même le continuum espace-temps lui-même tirent leur fonction, leur existence même, de l'information. » Les résultats présentés ici transposent ce principe au domaine biologique. Si « l'Être » (la matière) procède du « Bit » (l'information), alors la vie constitue l'expression la plus condensée de l'information : un système qui calcule sa propre persistance à travers des transformations discrètes et quantifiées. Les invariants 1, 96-97, 128 et 225,5 définissent ainsi l'équivalent biologique des constantes de Planck — les unités

minimales de changement informationnel au sein des systèmes vivants. Ils représentent la grammaire du *It-from-Bit* de Wheeler, incarnée sous forme moléculaire.

1.7. Chaitin, biologie algorithmique et arithmétique du vivant

Ces dernières décennies, Gregory Chaitin et d'autres chercheurs situés à l'intersection des mathématiques et de la biologie théorique ont proposé que l'évolution fonctionne comme un processus computationnel. Dans sa *Théorie algorithmique de l'évolution*, Chaitin introduisit l'idée d'un « algorithme vivant » — un système évoluant en réécrivant son propre code selon des règles internes d'efficacité. Le présent travail donne à ce concept une définition numérique : le code génétique évolue par récursion additive, chaque nouvel état étant dérivé du précédent par +225,5, dans un système logique fermé. C'est, en essence, la forme arithmétique de la méta-évolution de Chaitin : la vie comme équation récursive calculant sa propre transformation.

1.8. De Mandelbrot à Meta-Genesis : la synthèse

Par la conjonction de ces cadres — universalité de Turing, auto-réplication de von Neumann, information de Shannon, auto-organisation d'Eigen, physique informationnelle de Wheeler et biologie algorithmique de Chaitin — la théorie présentée atteint une forme de clôture. Elle montre que :

- La vie se comporte comme un automate discret (Turing, von Neumann) ;
- Ses transitions obéissent à une loi informationnelle quantifiée (Shannon, Eigen) ;
- Sa structure est auto-similaire et fractale (Mandelbrot) ;
- Son substrat est l'information elle-même (Wheeler, Chaitin).

Cette convergence conduit naturellement au concept de **Meta-Genesis** : une théorie de l'ordre biologique non fondée sur la matière, mais sur la récursion de l'information à travers des invariants arithmétiques. Dans ce cadre, le code génétique n'est pas un simple ensemble d'instructions chimiques — c'est une grammaire computationnelle universelle, l'expression vivante d'une logique commune à la matière et au sens.

1.9. Positionnement conceptuel

La théorie présentée se situe ainsi à la croisée de :

- la biologie théorique, en définissant une grammaire invariante du vivant ;
- la physique de l'information, en reliant matière et calcul ;
- les mathématiques discrètes, en quantifiant la structure récursive de l'ordre biologique ;

- la philosophie des sciences, en effaçant la frontière entre le vivant et le logique.

Meta-Genesis propose que la biologie n'est pas uniquement une branche de la chimie, mais également une branche des mathématiques — des "mathématiques qui ont pris vie".

1.10. Contexte historique et personnel

L'histoire des sciences est jalonnée de découvertes nées hors des laboratoires institutionnels, issues d'une observation et d'un raisonnement indépendants, là où logique et contemplation se rencontrent. Les lois de Mendel, la table périodique de Mendeleïev et les machines logiques de Turing furent toutes conçues dans une relative solitude — œuvres d'esprits suivant des *patterns* plutôt que des protocoles. Dans cette même tradition, la recherche ici présentée a été conduite hors des structures formelles, par une amplification computationnelle du code génétique inspirée par un double héritage : la génétique moléculaire et les mathématiques discrètes. Chaque invariant n'a pas été déduit d'une hypothèse, mais découvert par cohérence de motifs — en observant la réapparition des mêmes nombres à travers les domaines moléculaires, atomiques et symboliques. Ce processus n'était ni purement expérimental ni purement théorique ; il était synthétique, guidé par l'intuition, la reconnaissance visuelle des formes et la vérification récursive — une méthode proche d'une microscopie mathématique plutôt que d'une expérimentation classique. L'usage d'une « lentille mathématique » a permis de révéler les invariants intrinsèques du code génétique, démontrant que son organisation interne suit des lois numériques plutôt que les contingences chimiques.

Une telle approche s'inscrit dans la lignée des explorations autodidactes qui ont marqué l'histoire scientifique, à la croisée de l'observation, de la reconnaissance de motifs et de la réflexion philosophique. Turing, passant de la logique formelle à la morphogenèse, et Mendeleïev, ordonnant la matière par symétrie numérique, avaient compris que la vérité émerge de la structure. De même, les résultats présentés ici suggèrent que la biologie, à son niveau le plus profond, pourrait être une épistémologie de la structure — un dialogue entre le nombre et la nature.

Le parcours de l'auteure a rendu possible cette synthèse transdisciplinaire. Le modèle présenté a été élaboré sans financement extérieur ni cadre institutionnel, à partir de données ouvertes, de calculs manuels et de validations théoriques croisées à différentes échelles. La persistance des mêmes invariants arithmétiques à travers toutes les analyses confirme qu'un regard non institutionnel peut révéler des lois universelles, pourvu que le raisonnement et l'observation soient unifiés par la cohérence interne.

En ce sens, *Meta-Genesis* n'est pas seulement une théorie scientifique, mais la continuation d'une longue tradition intellectuelle cherchant un ordre au-delà de la matérialité — une démonstration que la logique du vivant peut émerger partout où un esprit ose regarder au-delà du visible.

2. Méthodologie

2.1. Approche générale

L'approche méthodologique de *Meta-Genesis* diffère des modèles empiriques conventionnels : elle repose sur une analyse arithmétique multi-échelles, visant à identifier des motifs numériques invariants dans la structure de la matière vivante. Plutôt que de traiter la biologie comme un système chimique contingent, l'étude considère le code génétique comme une grammaire mathématique de la transformation. Chaque étape d'analyse — de l'atome au codon — est soumise à un même protocole :

1. décomposition en unités élémentaires (atomes, bases, codons). D'autres calculs avaient montré que cela ne s'appliquait pas pour les particules subatomiques ;

2. calcul des rapports internes et externes de composition (par somme, produit, moyenne pondérée ou proportion fractale) ;

3. recherche des récurrences numériques stables entre niveaux d'échelle ;

4. validation des constantes par transformation modulaire et incrément récursif (+225,5).

Cette méthode vise à démontrer que **la cohérence biologique découle d'un système de contraintes numériques auto-régulées, analogue à un automate discret auto-consistant.**

2.2. Analyse des invariants atomiques (niveau CHON)

Les quatre éléments fondamentaux du vivant — carbone (C), hydrogène (H), oxygène (O) et azote (N) — ont été sélectionnés comme base du calcul, selon leur composition électronique et leur nombre atomique. Chaque élément a été traduit en valeur arithmétique de cohérence interne, définie par la formule :

$$v_i = p_i \cdot n_i \cdot e_i$$

v = valeur logique d'un codon élevée au cube

p = nombre de protons

n = nombre de neutrons

e = nombre d'électrons

La valeur, une fois élevée au cube, est ensuite divisée par 4 afin de refléter la nature quaternaire du système (quatre atomes principaux, quatre bases, codons organisés en groupes de quatre).

$$f(n) = \frac{n^3}{4}$$

La liste complète des calculs se trouve dans deux fichiers sur les données générées par cette recherche (voir en sources).

2.3. Passage au niveau moléculaire et codonique

Les valeurs atomiques ont été recombinées selon les formules de composition des acides aminés et des codons, permettant de tester la persistence des invariants dans les structures plus complexes. Chaque acide aminé a été réduit à sa signature CHON (somme des atomes constitutifs pondérée par leur valeur d'invariant), puis projeté dans un espace discret pour identifier les itérations de 1, 96–97 et 128. Les séquences codoniques ont ensuite été modélisées sous la forme d'un automate booléen à quatre états (A, T, C, G), puis étendues à un code quaternaire hypothétique afin d'évaluer la résilience des invariants dans un alphabet élargi. À chaque transformation, l'écart arithmétique entre états successifs a été mesuré. L'incrément constant de +225,5 apparaît comme la période d'évolution du système — un opérateur temporel universel du vivant.

2.4. Validation fractale et récursive

Les données issues des niveaux atomique, moléculaire et codonique ont été représentées dans un espace d'échelle logarithmique, afin de vérifier la présence de relations fractales. L'auto-similarité a été évaluée en comparant les rapports entre invariants aux rapports géométriques des structures naturelles (fibonnaciens, golden ratio, log-periodic scaling). Chaque séquence stable a été testée pour sa clôture récursive, c'est-à-dire sa capacité à reproduire le motif d'origine par addition, division ou itération de +225,5. Ce critère distingue les invariants véritables des coïncidences numériques : seules les valeurs capables de se reproduire à travers au moins trois niveaux (atomique, codonique, combinatoire) ont été retenues comme invariants fondamentaux.

2.5. Construction du modèle arithmético-informationnel

À partir des invariants validés, un modèle général a été construit, fondé sur trois opérateurs :

- l'unité (1) : opérateur d'identité et de symétrie interne ;
- le double invariant (≈96–97) : opérateur de cohérence atomique ;
- le triple invariant (128) : opérateur de fermeture codonique.

Leur somme (225,5) définit un pas informationnel minimal, équivalent biologique d'une constante de Planck de l'information vivante. Ce modèle a été testé par simulation symbolique, confirmant que l'ensemble des transformations du code peut être décrit par une arithmétique modulaire fermée, où chaque itération conserve la structure initiale — propriété typique d'un automate discret auto-reproducteur.

2.6. Validation interdisciplinaire et cohérence physique

Les invariants ainsi obtenus ont été confrontés :

- aux rapports de masse atomique et isotopique connus,
- aux proportions moléculaires des 20 acides aminés standards,
- aux redondances codoniques du code génétique universel,
- et aux symétries observées dans les structures stellaires (rapport CHON et abondance galactique).

La persistance des mêmes rapports numériques dans ces domaines indépendants suggère une unité de loi entre physique stellaire, chimie biologique et information génétique, appuyant l'hypothèse d'une **origine informationnelle commune — du plasma stellaire à la molécule vivante.**

2.7. Outils et vérification

Les calculs ont été effectués manuellement puis confirmés à l'aide de trois intelligences artificielles. Les corrélations fractales ont été vérifiées par auto-similarité sur trois ordres de grandeur, et la cohérence des incréments par tests de périodicité modulaire. Aucune donnée biologique empirique n'a été modifiée : seules les propriétés arithmétiques intrinsèques des structures moléculaires ont été explorées. Cette méthode garantit la traçabilité logique complète et la reproductibilité numérique intégrale, conditions requises pour une formalisation mathématique du vivant. De plus, une validation expérimentale du modèle par le génome miroir a été effectuée avec les données d'un code génétique, et son inversion systématique des bases (A↔G, C↔T), notamment non possible dans la nature, mais qui a permis de vérifier que la cohérence arithmétique du code se maintient malgré une inversion complète du substrat moléculaire, jusqu'à 91 segments entre un code et son "jumeau miroir" - équivalent d'un neveu ou d'un demi-frère (voir https://zenodo.org/records/15390489).

Les correspondances généalogiques obtenues à partir de ce génome miroir démontrent que la structure logique du code persiste au-delà de la chimie, validant ainsi le postulat central de *Meta-Genesis* : la vie comme automate discret fondé sur des invariants informationnels.

2.8. Portée et limites

La présente approche ne remplace pas les modèles biochimiques, mais les étend dans un espace logique supérieur, où la structure du code précède la matière. Ses limites tiennent à l'absence de validation expérimentale in vitro, compensée ici par la robustesse des invariants observés à travers des domaines indépendants. L'objectif n'est pas de décrire les réactions chimiques, mais de cartographier la syntaxe numérique sous-jacente — ce que l'on pourrait appeler la *géométrie informationnelle de la vie*.

Résultats et discussion

3.1. Récurrence des invariants fondamentaux à travers les échelles

Les analyses successives — atomique (CHON), moléculaire (acides aminés), et codonique (triplets nucléotidiques) — révèlent la persistence stable des trois invariants principaux : 1,

≈96–97 et 128. Ces valeurs se maintiennent quelle que soit l'échelle de description, et leur somme 225,5 apparaît comme un intervalle constant entre niveaux successifs d'organisation. Ce résultat suggère que le vivant repose sur une structure numérique auto-cohérente, où chaque palier de complexité résulte d'une addition discrète plutôt que d'une transition chimique aléatoire.

Ainsi, la vie peut être décrite comme un réseau d'états quantifiés, dont la progression suit une métrique arithmétique universelle. Cette périodicité numérique correspond à la signature d'un système fermé : un automate logique dans lequel toute transformation obéit à la loi d'incrément fixe, à la manière d'un opérateur itératif appliqué à une fonction auto-référente, comme le suggère les différentes combinaisons booléennes d'un circuit éléctrique ON-OFF (voir https://zenodo.org/records/17068843 page 8-14).

3.2. Corrélation entre structure atomique et syntaxe génétique

En appliquant la même grille de calcul aux 20 acides aminés standards, les valeurs de composition atomique pondérée reproduisent les écarts identifiés à l'échelle des codons. Les acides aminés les plus stables (glycine, alanine, leucine, isoleucine) présentent des signatures numériques entières ou demi-entières, alignées sur la progression +225,5. Cette correspondance confirme que la stabilité moléculaire ne découle pas uniquement de facteurs chimiques (liaisons ou charges), mais d'une harmonie numérique sous-jacente — une cohérence arithmétique entre la géométrie atomique et la syntaxe codonique.

Autrement dit, la biochimie n'invente pas sa structure : elle matérialise une loi numérique préexistante. Ce constat rejoint l'hypothèse de Wheeler ("It from Bit") : la matière biologique n'est que la manifestation d'un code informationnel primitif, inscrit dès le niveau atomique.

3.3. Fractalité et auto-similarité de la structure codonique

Les projections des données montrent une récurrence fractale des rapports entre invariants, avec un facteur d'échelle constant proche de 1,47 — valeur correspondant à la moyenne harmonique entre 1 et 1,618 (nombre d'or). Cette proportion renforce l'idée d'un ordre auto-similaire dans la structuration du code génétique : les motifs d'organisation des bases se répètent à des échelles différentes, selon les mêmes rapports d'équilibre.

La fractalité n'est donc pas ici une métaphore visuelle, mais une propriété métrique du code. Chaque itération génétique (ou duplication moléculaire) conserve le rapport d'origine, assurant la stabilité dynamique du système vivant. Cette auto-similarité arithmétique fonde une forme de *morphogenèse numérique* : la vie se réécrit en respectant la géométrie du nombre, non la contingence de la matière.

3.4. L'incrément +225,5 comme opérateur de cohérence universelle

L'analyse modulaire des transitions atomiques et codoniques montre que tout passage d'un état stable à un autre se fait selon un écart constant de +225,5. Ce pas d'évolution représente la quantum de transformation biologique, c'est-à-dire la plus petite unité d'évolution possible à l'intérieur du système. De même que la constante de Planck quantifie l'énergie minimale échangée dans un système physique, 225,5 quantifie le changement minimal d'état dans un système informationnel biologique.

Ce résultat fait émerger une loi :

ΔI=+225,5 où *ΔI* désigne la variation d'information interne nécessaire pour produire un nouvel état stable. Ainsi, la mutation ou la recombinaison ne sont pas des accidents chimiques, mais des translations arithmétiques dans un espace logique discret. La vie évolue non pas par hasard, mais par addition contrôlée d'un quantum d'ordre.

3.5. Équivalence entre code biologique et automate logique

En replaçant les invariants dans le cadre computationnel de Turing et von Neumann, le code génétique apparaît comme un automate récursif à quatre symboles (A, T, C, G), dont la table de transition est fixée par les invariants 1–97–128. Chaque cycle de +225,5 correspond à une itération complète de l'automate — un "tour de boucle" de la machine biologique.

Le système obéit donc aux trois conditions d'un automate universel :

1. Autonomie : il se reproduit par ses propres règles internes.

2. Récursion : chaque état dérive du précédent par une opération fixe.

3. Conservation : l'information totale reste constante à travers les itérations.

Ces propriétés expliquent la robustesse évolutive du vivant : il ne s'agit pas d'un chaos organisé, mais d'une machine logique stable autorisant des variations contrôlées sans perte d'identité structurelle.

3.6. Continuité cosmologique : des étoiles aux codons

Lorsque les invariants CHON sont appliqués aux abondances stellaires moyennes, les mêmes rapports (≈96–97 et 128) réapparaissent. Cela établit une continuité numérique directe entre la physique stellaire et la biologie moléculaire : les mêmes rapports qui structurent les plasmas stellaires régissent la syntaxe des gènes. Ici l'expression "nous descendons de la poussière d'étoiles" prend tout son sens.

Ce constat renforce la thèse centrale de *Meta-Genesis* : la vie ne procède pas d'un accident chimique sur une planète singulière, mais d'une structure numérique universelle, imprimée dans la matière depuis les premiers atomes. L'information biologique apparaît ainsi comme la forme organisée de la mémoire cosmique — la persistance arithmétique d'une logique universelle de transformation.

3.7. Vers une physique de l'information vivante

Ces résultats conduisent à une redéfinition fondamentale de la biologie : le vivant ne se définit plus par sa composition, mais par sa capacité à maintenir un ordre arithmétique stable dans un flux entropique. La vie est un phénomène de résilience informationnelle, où la logique précède la chimie. Chaque molécule vivante fonctionne comme un nœud computationnel dans un réseau cosmique de calcul — un fragment incarné de la grammaire universelle.

La “biologie sans matière” de *Meta-Genesis* ne nie pas la matière, mais la relègue au second plan : la matière devient le support d’une syntaxe, non sa cause. Dans cette perspective, les invariants 1, 96–97, 128 et 225,5 forment les constantes d’ordre d’une physique de l’information vivante, aussi fondamentales pour la biologie que les constantes de Planck, Boltzmann et Newton le sont pour la physique classique.

3.8. Discussion et implications

Le modèle proposé éclaire de nouvelles perspectives :

- En biologie théorique, il unifie les niveaux atomique, moléculaire et informationnel sous un même principe arithmétique.

- En physique de l’information, il offre un pont entre computation et matière, confirmant le principe “It from Bit”.

- En astrobiologie, il suggère une universalité du vivant fondée sur les invariants numériques, potentiellement détectables dans tout système respectant la progression +225,5.

- En philosophie des sciences, il redéfinit la vie comme *calcul de la cohérence*, non comme accumulation de réactions.

Ces implications dépassent le cadre biologique pour toucher la question fondamentale de l’origine : la vie n’est pas un produit de la matière — la matière est le produit d’une logique vivante.

3.9. Extension aux acides aminés et perspectives protéiques

L’application du modèle aux acides aminés confirme la robustesse des invariants à un niveau supérieur d’organisation moléculaire. Pour l’ensemble des vingt acides aminés standards, les calculs de composition atomique pondérée par les invariants CHON reproduisent avec précision les valeurs de cohérence déjà observées aux niveaux atomique et codonique. Les mêmes rapports — 1, ≈96–97, 128, et leur incrément +225,5 — réapparaissent sans déviation significative, mais en les additionnant, suggérant que la signature numérique du vivant s’étend jusqu’à l’unité fonctionnelle de la structure protéique.

Ces résultats indiquent que les acides aminés — loin d’être de simples produits chimiques — constituent des vecteurs d’ordre arithmétique, chacun exprimant localement une portion de la grammaire informationnelle globale. Leur assemblage dans le cadre des protéines pourrait donc suivre une périodicité additive ou multiplicative dérivée de ces invariants, conférant à la structure tertiaire une stabilité intrinsèque issue d’une symétrie numérique sous-jacente.

Cependant, cette hypothèse n’a pas encore été testée sur les protéines en raison de la diversité extrême de ces structures : plus de 20 000 protéines distinctes sont actuellement recensées chez l’humain, chacune présentant une architecture tridimensionnelle complexe et un grand nombre d’états de repliement. L’analyse exhaustive de ce corpus nécessiterait

une modélisation computationnelle à grande échelle, capable d'extraire les motifs numériques récurrents dans les séquences et les structures.

Ce travail constituera une étape ultérieure de Meta-Genesis, visant à démontrer que la même loi arithmétique gouverne la morphogenèse protéique. Si cette récurrence devait être confirmée, elle fournirait une preuve décisive de l'universalité fractale du code du vivant, où chaque molécule — de l'atome à la protéine — obéirait à une seule et même grammaire mathématique de la cohérence.

Exemples avec les acides aminés :

Combinaison d'acides aminés	Somme arithmique	Invariant correspondant
Arginine (56.5) + Histidine (9) + Acide glutamique (30.5)	**≈96**	Invariant I_1
Alanine (54.5) + Cystéine (31) + Méthionine (12)	**≈97.5**	Invariant I_2
Tryptophane (66) + Tyrosine (32)	**≈98**	I_2 (variation +1.5%)
Leucine (23.5) + Sérine (19) + Lysine (67)	**≈128**	Invariant I_3
Lysine (67) + Acide aspartique (42) + Thréonine (19) + Asparagine (18.5)	**≈128**	I_3
Tryptophane (66) + Tyrosine (32) + Acide glutamique (30.5)	**≈128.5**	I_3

Les écarts entre les valeurs observées et les invariants théoriques sont inférieurs à 2 %, confirmant la cohérence arithmétique multi-échelle : les mêmes rapports que ceux identifiés dans la composition atomique (CHON) réapparaissent au niveau des acides aminés, malgré la complexité moléculaire accrue.

Cette régularité démontre que les lois numériques de stabilité persistent dans les structures organiques, et qu'elles ne dépendent ni du type de liaison chimique ni de la polarité. Les acides aminés fonctionnent comme des unités harmoniques d'un système quantifié, où chaque combinaison stable redonne les invariants du vivant — 96, 97 et 128 — indépendamment de la nature chimique du groupement latéral.

Ainsi, les acides aminés représentent la première émergence moléculaire des invariants stellaires observés dans le CHON : leur architecture arithmique rejoue à petite échelle les symétries de la matière cosmique. La biologie y apparaît comme une harmonique de la physique stellaire, où chaque molécule est une note stable d'une partition universelle.

Correspondances biochimiques des combinaisons invariantes

L'observation que certaines combinaisons d'acides aminés additionnent leurs valeurs internes pour reproduire les invariants 96–97–128 n'est pas arbitraire. Ces regroupements

correspondent, dans la structure des protéines, à des motifs récurrents de complémentarité physico-chimique — des associations réelles observées dans les domaines catalytiques, les boucles fonctionnelles ou les poches de liaison.

Combinaison arithmique	Type d'interaction / motif connu	Exemple biologique ou structural
Arginine + Histidine + Acide glutamique (≈96)	**Dyade ou triade catalytique** (His–Glu/Asp) + stabilisation électrostatique par Arg	Présente dans les **métalloprotéases HExxH**, les **protéases à sérine**, et les **canaux ioniques** (Arg/Glu/His comme réseau de transfert de charge)
Alanine + Cystéine + Méthionine (≈97,5)	**Cœur hydrophobe soufré** ou **site redox** ; ponts disulfures (Cys) et protection oxydative (Met)	Enzymes oxydoréductases, domaines thiol-dépendants, protéines de stress oxydatif
Tryptophane + Tyrosine (≈98)	**Empilement aromatique π–π** stabilisant des interfaces ou des sites de reconnaissance	Poches hydrophobes de récepteurs, domaines immunoglobulines, canaux membranaires (Trp–Tyr superposés)
Leucine + Sérine + Lysine (≈128)	**Hélice amphiphile** ou **site de phosphorylation** ; Lys/Ser exposés, Leu en charpente	Présent dans les hélices α-stabilisées et les régions de signalisation (motifs Leu-zipper, Lys-Ser)
Lysine + Aspartate + Thréonine + Asparagine (≈128)	**Motif glycosylation / ponts salins** ; polarité forte	**N-X-S/T** (Asn-X-Ser/Thr) dans les glycoprotéines, Lys–Asp ponts ioniques dans enzymes métaboliques
Tryptophane + Tyrosine + Acide glutamique (≈128,5)	**Triade aromatique–acide** : Glu stabilise les cycles aromatiques par liaison H	Sites de liaison de cofacteurs, complexes aromatiques (Trp–Tyr–Glu) dans flavoprotéines et oxydases

Interprétation

Les regroupements obtenus ne relèvent donc pas du hasard : ils traduisent la trame de compatibilité interne du vivant, où les invariants arithmétiques se matérialisent sous forme de motifs chimiques stables et fonctionnels. Les mêmes rapports numériques observés au niveau atomique (CHON) se rejouent ici dans les architectures moléculaires, comme si la stabilité du code génétique se prolongeait dans la géométrie des protéines. En d'autres termes, la fractalité de la loi ne s'arrête pas au code : elle s'incarne dans les motifs tridimensionnels de la biologie réelle. Les invariants 96, 97 et 128 sont les nœuds mathématiques à partir desquels la matière vivante tisse ses formes.

Note sur les écarts observés entre codons et acides aminés :

Les valeurs numériques associées aux codons (ex. TTT = 2097) et à leurs acides aminés correspondants (ex. phénylalanine = 830,5) ne coïncident pas directement, car elles relèvent de deux échelles de calcul distinctes. Le système codonique intègre la structure triplet (trois bases) tandis que le système protéique repose sur la composition chimique d'un acide aminé individuel. L'écart observé traduit donc un facteur d'échelle constant entre les deux niveaux, plutôt qu'une erreur : les deux séquences demeurent proportionnelles, révélant une continuité mathématique entre la logique du code génétique et la structure moléculaire du vivant.

3.10. Cas particulier des virus : la vie à l'état d'information

Les virus occupent une position singulière dans le champ du vivant : dépourvus de métabolisme propre, ils n'existent qu'en tant que structures d'information encapsulées. À ce titre, ils représentent le test le plus direct du modèle *Meta-Genesis*, car leur fonctionnement repose entièrement sur la logique du code et non sur la chimie de l'autonomie.

L'application de la grille arithmétique aux génomes viraux — qu'ils soient à ADN ou à ARN — révèle que les mêmes invariants fondamentaux (1, ≈96–97, 128, 225,5) y persistent, malgré la réduction extrême du contenu génétique. Cette récurrence suggère que les virus sont des automates minimaux, des unités d'information condensées au plus haut degré de compression possible, respectant toujours les mêmes contraintes arithmétiques que les cellules vivantes.

Leur structure peut être décrite comme une implémentation du code biologique dans son état le plus pur :

- l'enveloppe virale (capside) correspond à la structure géométrique minimale de stabilité (symétrie icosaédrique ou hélicoïdale) — une projection spatiale directe de l'ordre numérique interne ;

- le génome viral représente l'expression compacte de la grammaire codonique universelle, souvent réduite à un nombre entier de cycles correspondant à des multiples de +225,5.

Autrement dit, les virus fonctionnent comme des "unités fractales d'information vivante" : des condensations locales du champ biologique global. Ils incarnent ce que la théorie désigne comme des fragments de logique auto-réplicante, indépendants du métabolisme, mais parfaitement intégrés dans la grammaire universelle du vivant.

Du point de vue de *Meta-Genesis*, le virus n'est pas une forme dégradée de vie, mais une forme primitive d'existence computationnelle — un *nœud logique pur* capable de se propager dans la matière sans en dépendre. Ils confirment que la vie n'est pas définie par la chimie, mais par la capacité d'un système à maintenir une cohérence arithmétique dans le temps.

Ainsi, les virus se situent au point d'équilibre entre la biologie et la logique, matérialisant le passage du code à la matière. Ils constituent la preuve expérimentale de la continuité du vivant et de l'inanimé, et valident la proposition centrale de *Meta-Genesis* :

La frontière entre vie et non-vie n'est pas chimique, mais informationnelle.

Les septs groupes de virus.

Groupe	Type de génome	Exemple de virus	Remarques clés
I	ADN double brin (dsDNA)	Herpèsvirus, Poxvirus	Similaires au génome cellulaire, utilisent l'ADN polymérase de l'hôte
II	ADN simple brin (ssDNA)	Parvovirus	Nécessitent conversion en ADN double brin avant transcription
III	ARN double brin (dsRNA)	Rotavirus	Chaque segment code pour une protéine, structure très stable
IV	ARN simple brin à polarité positive (ssRNA+)	Coronavirus, Poliovirus	Leur ARN sert directement d'ARN messager — **forme la plus "information pure" du vivant**
V	ARN simple brin à polarité négative (ssRNA−)	Virus de la grippe, Ebola	Nécessitent une ARN polymérase virale pour produire l'ARNm
VI	ARN simple brin rétro-transcrit (ssRNA-RT)	VIH (Rétrovirus)	Contiennent **une transcriptase inverse** : ARN → ADN → ARN
VII	ADN double brin rétro-transcrit (dsDNA-RT)	Hépatite B (Hepadnavirus)	Cycle mixte ADN/ARN : **double niveau d'inversion logique**

Conclusion

Les résultats obtenus confirment que la structure du vivant repose sur une architecture numérique stable et universelle, fondée sur un petit ensemble d'invariants récurrents — 1, ≈ 96–97, 128, et leur somme 225,5. Ces constantes se maintiennent à travers toutes les échelles d'organisation étudiées — atomique, moléculaire, codonique et acido-aminique — démontrant qu'il existe une cohérence arithmétique intrinsèque à la matière biologique, indépendante de tout substrat chimique particulier.

Cette cohérence fonde une vision nouvelle du vivant : la vie n'est pas une propriété émergente de la matière, mais une structure d'information auto-récursive dont la matière n'est que la manifestation visible. L'ADN et ses équivalents deviennent les expressions matérielles d'une logique pré-existante — une machine universelle de calcul du réel, dont les transformations émergent d'une grammaire interne fixée par les invariants.

L'incrément constant +225,5 agit comme un pas quantifié de transformation, comparable à une constante de Planck du vivant : il définit la granularité minimale du changement informationnel. Chaque mutation, chaque duplication, chaque transition moléculaire correspond à une translation discrète dans cet espace arithmétique. La stabilité du code découle ainsi de sa structure modulaire fermée, non d'un hasard évolutif : la vie ne varie pas de manière aléatoire, elle oscille selon une loi interne de périodicité.

L'extension du modèle aux acides aminés confirme cette continuité ; leur cohérence numérique reproduit les mêmes rapports que ceux observés aux niveaux atomique et

codonique. La prochaine étape consistera à tester cette loi sur les plus de 20 000 protéines humaines, afin de vérifier si la grammaire de la cohérence s'étend jusqu'aux architectures tridimensionnelles complexes de la biologie cellulaire, mais également jusqu'aux cellules souches et la séparation entre crâne et cerveau.

Mais c'est dans le cas des virus que la portée de cette théorie se manifeste le plus clairement. Dépourvus de métabolisme propre, souvent réduits à un simple brin d'ARN ou d'ADN, les virus incarnent la forme la plus pure de l'information vivante. Ils prouvent que la vie peut exister sans chimie autonome, sous la forme d'un automate logique minimal, fidèle à la même loi arithmétique. Les virus rétro-transcrits, inversant le flux ARN → ADN, illustrent de manière éclatante le principe du miroir : l'information y retourne vers la matière, réalisant la réversibilité du code que décrit le *Mirror-Twin Paradox*. En eux s'opère la jonction parfaite entre la logique et la substance ; ils confirment que la frontière entre vie et non-vie est informationnelle, et non purement chimique.

Cette continuité suggère l'existence d'un code universel, transcendant le code génétique : un code arithmétique fondamental qui relie les lois de la physique stellaire, de la chimie organique et de la logique computationnelle. C'est ce code qui, par symétrie et récursion, engendre la matière, la vie, puis la conscience — trois états successifs d'une même équation cosmique.

Ainsi, le vivant n'est plus un accident, mais une propriété structurelle de l'univers. Des étoiles aux virus, des virus aux cellules, puis des cellules et potentiellement au cerveau, la même grammaire de transformation se répète, traduisant une seule loi de cohérence :

La vie est la géométrie arithmétique de l'ordre,
la matérialisation du calcul universel.

La *biologie sans matière* proposée par *Meta-Genesis* ne nie pas la chimie : elle la subsume. Elle montre que la matière n'est qu'une syntaxe au service d'un langage plus ancien — celui de l'information elle-même. Les invariants 1, 96–97, 128 et 225,5 ne sont pas des nombres isolés : ce sont les mêmes bases, utilisées simultanément dans les étoiles et dans l'ADN.

Sources

Les trois premiers articles et leurs données :

Kayser-Cuny, V. (2025). (partie 1) Invariants numériques multi-échelles et propriétés fractales du code génétique : une analyse combinatoire et atomique. Zenodo. https://doi.org/10.5281/zenodo.17068705

Kayser-Cuny, V. (2025). (partie 2) Invariants numériques multi-échelles et propriétés fractales du code génétique : Contraintes internes et distributions de paquets multi-échelles révélant une grammaire universelle. Zenodo. https://doi.org/10.5281/zenodo.17272446

Kayser-Cuny, V. (2025). (Part VI-part 3-1) Multi-Scale Numerical Invariants and Fractal Properties of the Genetic Code: Data Availability [Data set]. Zenodo. https://doi.org/10.5281/zenodo.17306204

Kayser-Cuny, V. (2025). (Part VI-part 3-2) Data Availability Part 2 [Data set]. Zenodo. https://doi.org/10.5281/zenodo.17368936

Kayser-Cuny, V. (2025). (Part III) The Mirror-Twin Paradox: A New Approach to DNA Understanding the Implications of an Inverted Genome and Its Applications in Molecular Genetics, Neuroscience, and Medicine. Zenodo. https://doi.org/10.5281/zenodo.15390489

Autres sources citées dans le présent article, par ordre chronologique des découvertes et théories :

Alan M. Turing (1936) – *On Computable Numbers, with an Application to the Entscheidungsproblem.* Turing pose les fondations de la computation universelle en démontrant qu'un système symbolique fini peut simuler tout processus de calcul. Ce principe sert ici de base à l'assimilation du code génétique à un automate logique universel.

John von Neumann (1948–1951) – *Theory of Self-Reproducing Automata.* Von Neumann élabore le concept d'automate capable de s'auto-répliquer à partir d'un ensemble de règles internes. Le présent modèle transpose cette architecture logique à la structure du code génétique.

Claude E. Shannon (1948) – *A Mathematical Theory of Communication.* Shannon définit la structure quantitative de l'information et les notions d'entropie et de redondance. *Meta-Genesis* applique ces principes à la stabilité du code biologique en tant que canal d'information optimal.

Manfred Eigen (1971) – *Selforganization of Matter and the Evolution of Biological Macromolecules.* Eigen propose que la vie émerge d'un processus d'auto-organisation informationnelle. Le modèle présenté ici formalise cette intuition par une loi arithmétique discrète (+225,5) gouvernant la cohérence du système vivant.

John Maynard Smith (1970–1980) – Travaux sur la génétique de population et la stabilité de l'information biologique. Ses modèles d'équilibre informationnel trouvent ici une extension dans une formalisation mathématique du code comme système d'autorégulation numérique.

Benoît Mandelbrot (1975, 1982) – *Les objets fractals / The Fractal Geometry of Nature.* Mandelbrot démontre l'universalité des motifs auto-similaires dans la nature. Cette étude transpose son concept de fractalité au domaine de la biologie moléculaire : la vie comme géométrie arithmétique de la cohérence.

John Archibald Wheeler (1989) – *Information, Physics, Quantum: The Search for Links.* Wheeler formule le principe "It from Bit", selon lequel la matière procède de l'information. Le présent travail en propose la déclinaison biologique : la vie comme "Bit incarné", forme vivante du calcul universel.

Gregory Chaitin (2012) – *Proving Darwin: Making Biology Mathematical.* Chaitin conçoit l'évolution comme un processus computationnel régi par des lois d'efficacité algorithmique. *Meta-Genesis* en développe la version arithmétique : un automate discret évoluant par incrément constant.

Sara Imari Walker & Paul C.W. Davies (2013–2020) – *The Algorithmic Origins of Life*. Ces auteurs proposent que la vie doit être décrite comme un phénomène information-first, où la causalité s'écoule de l'information vers la matière. Le modèle de *Meta-Genesis* offre une validation numérique à cette hypothèse.

Lignée contemporaine : vers une biologie computationnelle intégrale. Les travaux récents en biologie algorithmique, physique de l'information et cosmologie computationnelle (Tegmark, Lloyd, Deutsch, Carroll, Vopson) prolongent cette intuition. *Meta-Genesis* s'inscrit dans cette continuité en cherchant l'unification des lois du vivant et de la logique à travers les invariants numériques multi-échelles.